

Key features

- Biomarker discovery
- Drug mechanism of action
- Target identification and validation
- Disease mechanisms
- User-friendly visualization tools

For the analysis and interpretation of omics data

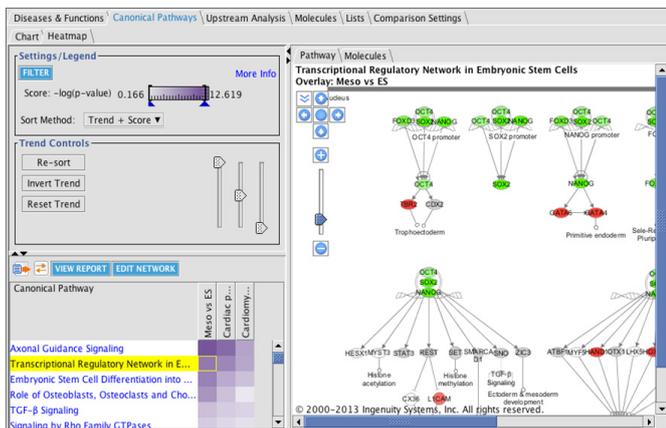
Ingenuity® Pathway Analysis (IPA®)는 대사체와 전사체를 통합적으로 분석하고 해석 해주는 웹 기반의 오믹스 분석 응용 소프트웨어입니다.

Application

- Biomarker discovery
주요 생물학적 특징을 기반으로 바이오마커의 후보군들을 검색하고, 관심있는 질병이나 표현형의 마커가 관련된 메커니즘을 설명합니다.
- Metabolomics
세포 기능에 영향을 미치는 대사체를 탐색할 수 있으며, miRNA 연구를 통해 유전자 발현 패턴을 조절하는 miRNA를 예측하고, miRBASE, TargetScan, Ingenuity 지식베이스를 이용하여 mRNA 타겟을 검색합니다.
- NGS/RNaseq analysis
통합적인 통계 분석과 발현되는 isoform을 빠르게 식별할 수 있는 간소화된 분석 도구를 제공합니다.
- Proteomics
복잡한 단백질체 데이터와 연관된 메커니즘을 발견하고, 조절 인자를 규명 또는 하위경로나 질병에 영향을 미칠 수 있는 요인을 예측합니다.

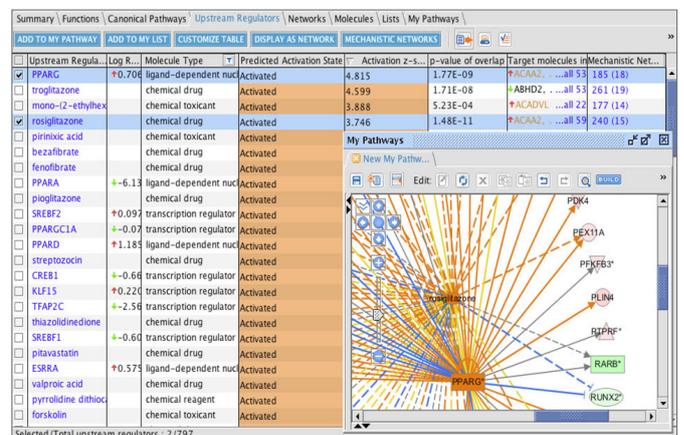
Interactive tools to explore and compare data-sets

Heat map, 상호보완적 pathway를 통해 유사성과 특징을 빠르게 찾을 수 있습니다. 하위경로에 미치는 영향과 조절인자를 탐색합니다.



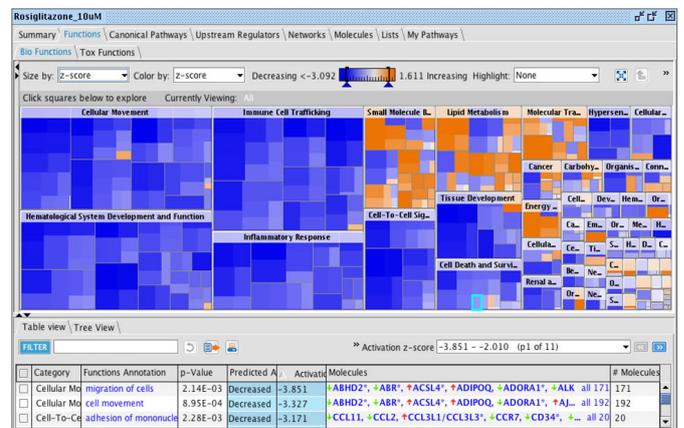
Interactive analysis of plausible upstream regulators

발현에 영향을 주는 miRNA와 전사인자들이 있는 상위경로를 예측하고 통찰력있는 분석을 진행할 수 있습니다. IPA의 핵심 분석은 데이터셋과 관련된 pathway와 기능, 관계, 메커니즘을 빠르게 규명하고 분석하는 데이터를 기반으로 하위경로 유전자의 발현이 증가하거나 감소하는 것을 확인할 수 있습니다.



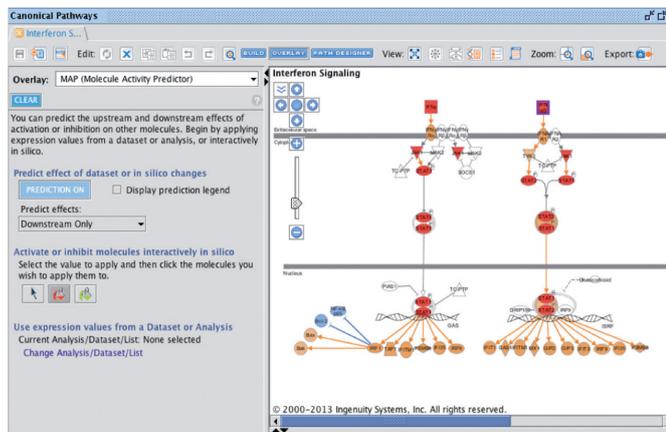
Detailed examination of downstream effects

Heat map을 통하여 하위경로 유전자가 강조된 것으로부터 유전자 발현 증감을 확인할 수 있습니다. 잠재적인 조절 인자에 의한 영향을 통합적으로 나타내고, regulator effects 도구를 활용하여 하위경로에 표현형 또는 기능에 영향을 미칠 수 있는 상위조절 인자를 예측할 수 있습니다.



Simulation of perturbations in subnetworks and canonical pathways

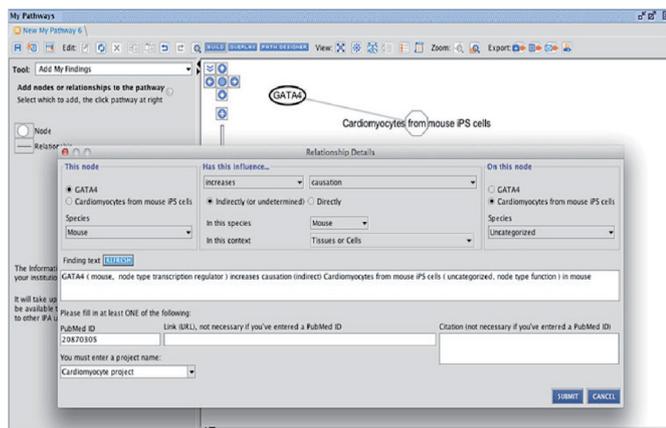
Molecule Activity Predictor(MAP)는 서브 네트워크와 고전적인 pathway에서 관심있는 분자를 선택하여 가설 검증을 도와주며, 네트워크와 신호경로에서 방향성과 조절양상을 살펴볼 수 있습니다. 핵심 분석 및 인과적 네트워크 분석, IPA Advanced Analytics은 데이터셋에 직접적인 연관이 없는 조절인자를 찾기 위해 상위경로까지 분석을 확장하여 실험 데이터와 관련된 다양한 원인 관계를 밝힐 수 있습니다. 또 다른 Advanced Analytics인 BioProfiler는 특정 질병과 표현형을 일으키는 요인을 빠르게 탐색하고, 치료제와 독성의 타겟 뿐만 아니라, 약물과 바이오 마커를 식별하는데 도움을 줄 수 있습니다.



Quickly customize relationship content for analyses

기존의 IPA 네트워크 또는 인과적 pathway의 유전자 리스트에 타겟 리스트와 바이오마커, XGMLL, BioPax, SBML, GPML pathway를 추가할 수 있습니다. 100개 이상의 네트워크와 인과적 pathway는 타겟 리스트와 데이터셋 사이의 연결을 통해 가설 검증을 할 수 있습니다. 또한 아래와 같은 pathway를 구축할 수 있습니다.

- miRNA-mRNA target networks
- Transcriptional networks
- Phosphorylation cascades
- Protein-protein or protein-promoter interaction networks
- Chemical/drug effects on proteins



Comprehensive filtering tools to confidently identify mRNA targets

miRNA 타겟 필터를 통해 miRNA의 생물학적 영향을 살펴볼 수 있습니다. TarBase와 miRecords에서 실험적으로 검증된 데이터를 기반으로 miRNA-mRNA 상호관계를 예측할 수 있습니다.

ID	Symbol	Fold Ch.	Source	Confidence	Expression Pair...	Symbol
hsa-mir-10b	miR-10a-5p (and other)	+2.940	TarBase, TargetScan Hu	Experimentally Observed	++	FOXO1/0
hsa-mir-10b	miR-10a-5p (and other)	+2.940	TargetScan Human	Moderate (predicted)	++	IL6R
hsa-mir-10b	miR-10a-5p (and other)	+2.940	TargetScan Human	Moderate (predicted)	++	ITGA1
hsa-mir-10b	miR-10a-5p (and other)	+2.940	TargetScan Human	Moderate (predicted)	++	KCNQ3
hsa-mir-10b	miR-10a-5p (and other)	+2.940	TargetScan Human	Moderate (predicted)	++	KIAA0319
hsa-mir-10b	miR-10a-5p (and other)	+2.940	TargetScan Human	Moderate (predicted)	++	KIAA0753
hsa-mir-10b	miR-10a-5p (and other)	+2.940	TargetScan Human	High (predicted)	++	KLF11
hsa-mir-10b	miR-10a-5p (and other)	+2.940	TargetScan Human	Moderate (predicted)	++	MAN1A2
hsa-mir-10b	miR-10a-5p (and other)	+2.940	TargetScan Human	High (predicted)	++	MAP4K4
hsa-mir-10b	miR-10a-5p (and other)	+2.940	TargetScan Human	Moderate (predicted)	++	MDM2
hsa-mir-10b	miR-10a-5p (and other)	+2.940	TargetScan Human	High (predicted)	++	NCCO2
hsa-mir-10b	miR-10a-5p (and other)	+2.940	Ingenuity Expert Findings	Experimentally Observed	++	NF1
hsa-mir-10b	miR-10a-5p (and other)	+2.940	TargetScan Human	High (predicted)	++	NFAT5
hsa-mir-10b	miR-10a-5p (and other)	+2.940	TargetScan Human	High (predicted)	++	NFKB
hsa-mir-10b	miR-10a-5p (and other)	+2.940	TargetScan Human	Moderate (predicted)	++	NFK1
hsa-mir-10b	miR-10a-5p (and other)	+2.940	TargetScan Human	High (predicted)	++	NKTR

소프트웨어 공급 서비스 문의
consulting@insilicogen.com

생물정보 분석 서비스 문의
codes@insilicogen.com

031.278.0061